

VRF e %NDT da forragem de *topcrosses* de linhagens S₃ de milho avaliados em dois espaçamentos

André Gabriel⁽¹⁾; Welton Luiz Zaluski⁽¹⁾; Diego Fernando De Marck⁽²⁾; Emanuel Gava⁽³⁾; Marcelo Cruz Mendes⁽⁴⁾; Marcos Ventura Faria⁽⁴⁾

⁽¹⁾ Doutorando em Produção Vegetal; Universidade Estadual do Centro Oeste; Guarapuava; Paraná; E-mail: andre.gb85@hotmail.com; ⁽²⁾ Mestrando em Produção Vegetal; Universidade Estadual do Centro Oeste; ⁽³⁾ Graduando em agronomia; Universidade Estadual do Centro Oeste; ⁽⁴⁾ Professor do Departamento de Agronomia; Universidade Estadual do Centro Oeste.

RESUMO: O método de *topcross* permite a avaliação do mérito relativo de um grande número de linhagens parcialmente endogâmicas a partir de combinações com testadores. Neste contexto, o presente trabalho teve por objetivo avaliar o desempenho do bromatológico de híbridos *topcrosses* como forma de inferir sobre linhagens parcialmente endogâmicas (S₃) em combinação com o testador, em Guarapuava. Foram implantados dois experimentos variando o espaçamento entre linhas (0,4 e 0,7m) avaliados no delineamento blocos ao acaso. A população final foi de 70.000 plantas ha⁻¹ em ambos os experimentos. Foram avaliados 31 tratamentos, sendo 25 híbridos *topcrosses* de linhagem S₃ obtidas a partir do híbrido P30B39, cruzadas com o híbrido simples DKB245 (testador) e mais seis híbridos comerciais utilizados como testemunhas. Foram avaliados o Valor Relativo de Forragem (VRF), e Nutrientes Digestíveis totais (%NDT) da forragem no ponto de ensilagem de plantas inteiras colhidas no ponto de ensilagem (¾ da linha do leite). O HTC102-21 se destacou frente aos demais híbridos *topcrosses* e testemunhas com as médias superior do VRF e %NDT em ambos os espaçamentos entre linhas. Na média geral, a %NDT foi superior no espaçamento de 0,4m.

Termos de indexação: *Zea mays*; digestibilidade de forragem; melhoramento de milho forrageiro.

INTRODUÇÃO

Por tradição, o milho é a cultura de maior importância para produção de silagem visando alimentação animal, e também por apresentar elevada produção de massa seca por área, facilidade de cultivo, alta digestibilidade e concentração de energia. Assim, a escolha do híbrido para silagem é fundamental para que o produtor obtenha altas produtividades no desenvolvimento da atividade pecuária.

O melhoramento genético de milho é fundamental para o fornecimento de híbridos que apresentam alta produtividade de massa verde e

massa seca, associado à digestibilidade e qualidade bromatológica de silagem.

A utilização de híbridos comerciais para extração de linhagens de segundo ciclo é uma estratégia que vem sendo utilizada com frequência nos programas de melhoramento de milho no Brasil (OLIBONI et al. 2013; GRALAK et al. 2014; FARIA et al. 2015; MARCONDES et al. 2015a; MARCONDES et al. 2015b; GRALAK, et al. 2015; SOUZA NETO et al. 2015) e em outros países (TROYER, 1999).

A avaliação da capacidade combinatória de um grande número de linhagens em dialelos torna-se limitada, o que torna o método de *topcrosses* uma alternativa viável (ANDRADE 1995).

O método *topcross* proposto por Davis (1927) proporciona a identificação precoce das linhagens superiores, já nas primeiras gerações de endogamia, de forma que as linhagens mais promissoras serão selecionadas para continuar no programa de melhoramento.

O objetivo deste trabalho foi avaliar o comportamento relativo de linhagens S₃ de milho obtidas a partir do híbrido P30B39, cruzadas com um testador (DKB245) quanto ao Valor relativo da forragem (VRF) e porcentagem de nutrientes digestíveis totais (%NDT) em dois espaçamentos entre linhas em Guarapuava-PR.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no campo experimental do Departamento de Agronomia da Universidade Estadual do Centro-Oeste, no *campus* CEDETEG, em Guarapuava-PR.

Foram realizados dois experimentos simultâneos e contíguos variando quanto ao espaçamento entre as linhas de semeadura (0,4m e 0,7m). Em ambos os experimentos foram avaliados 31 tratamentos, sendo 25 híbridos *topcrosses*, obtidos a partir do cruzamento de linhagens S₃ (originadas do híbrido P30B39) com o híbrido simples DKB245 (testador), mais seis híbridos comerciais utilizados como testemunhas (P30F53 H, P30B39 H, DKB315 PRO, DKB245 PRO2, SG6030 PRO, AS1572). O

delineamento experimental foi de blocos com os tratamentos ao acaso, com três repetições.

Os experimentos foram semeados em 18/10/2013, em sistema de plantio direto. Cada parcela foi constituída de uma linha com 5m. O estande de plantas foi ajustado para a população de 70.000 plantas por hectare.

No ponto de ensilagem (75% da linha de leite nos grãos) foi feito o corte das plantas de cada parcela a 0,2 m do solo. Em seguida, seis plantas de cada parcela foram picadas em triturador estacionário, com tamanho médio de partículas de 2 cm.

O material picado de cada parcela foi homogeneizado, em seguida uma amostra de 0,3 kg foi levada para secagem em estufa de circulação forçada de ar a 55 °C até obtenção de peso constante. Posteriormente, cada amostra seca foi moída em moinho estacionário tipo Willey, com peneira de 1 mm de malha.

No laboratório de Análises de Alimentos e Nutrição de Ruminantes da UNICENTRO foram determinadas os teores fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA) na matéria seca, em solução de detergente neutro e detergente ácido de acordo com Van Soest et al. (1991). Foram utilizados 0,5 mL de α amilase termoestável para cada amostra na determinação do FDN.

O Valor Relativo da Forragem (VRF) no ponto de ensilagem foi obtido pelo estimador $VRF = (DMS \cdot CMSP) / 1,29$, conforme Bolsen (1996), em que DMS (% digestibilidade estimada da MS), $DMS = 88,9 - (0,779 \cdot FDA)$, conforme Bolsen (1996). CMSP (%PV) é o consumo de MS em função do peso vivo. $CMSP = 120 / FDN$, conforme Mertens (1994).

A porcentagem de nutrientes digestíveis totais da forragem (%NDT), obtido por $\%NDT = 87,84 - (0,70 \times \% FDA)$.

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupadas por Scott Knott a 5% de probabilidade. As análises foram feitas utilizando-se o programa estatístico GENES (CRUZ, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os quadrados médios foram significativos pelo teste F a 5% de probabilidade para as fontes de variação genótipos e interação ‘genótipos x espaçamentos’, para todas as variáveis, comprovando a existência de variabilidade dos genótipos avaliados e comportamento diferenciado destes em relação espaçamentos utilizados. No entanto, houve efeito significativo do espaçamento entre linhas para %NDT (Tabela 1).

Os coeficientes de variação foram de baixa magnitude 4,51% e 1,88% para VRF e %NDT,

respectivamente (Tabela 1), inferindo credibilidade nos dados obtidos do experimento.

Os valores médios obtidos para a VRF no espaçamento de 0,4 m entre linhas estão na Tabela 2. Os genótipos foram classificados em quatro grupos distintos pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, com amplitude de valores de 97,96 (HTC102-08) a 135 (HTC102-07).

Os híbridos *topcrosses* (HTC102-17), (HTC102-18) e (HTC102-07) foram ranqueados no grupo de maiores médias para VRF pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, foram e superior aos demais híbridos *topcrosses* e testemunhas no espaçamento 0,4 m entre linhas (Tabela 2).

No espaçamento 0,7m entre linhas para o VRF, houve a formação de dois grupos distintos de genótipos pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (Tabela 2). As médias oscilaram de 95,76 (HTC102-08) a 125,38 (DKB315 PRO) (Tabela 2).

No grupo de maiores médias foram alocados 60% dos híbridos *topcrosses* no espaçamento 0,7m entre linhas, que não diferiram dos híbridos testemunhas AS1572 (110,53), DKB245 PRO2 (117,90), SG6030 PRO (118,81) e DKB315 PRO (125,38) (Tabela 2). HTC102-07 e HTC102-21 se destacaram entre os demais híbridos *topcrosses* e testemunhas por serem alocados entre os genótipos com as maiores médias em ambos os espaçamentos entre linhas (Tabela 2).

Quanto à %NDT no espaçamento 0,4m entre linhas, ocorreu a formação de dois grupos distintos de genótipos (Tabela 2). As médias oscilaram de 64,32% (AS1572) a 70,5% (HTC102-07), evidenciando a variabilidade genética dos *topcrosses*.

No grupo de maiores médias foram alocados 60% dos híbridos *topcrosses*, que não diferiram dos híbridos comerciais SG6030 PRO (68,92%), P30F53 H (67,10%), DKB315 PRO (67,00%) e DKB245 PRO2 (66,77%) sendo superior aos demais híbridos *topcrosses* e testemunhas P30B39 H (64,54) e AS1572 (64,32) (Tabela 2).

No espaçamento 0,7m entre linhas, ocorreu a formação de dois grupos distintos de genótipos, a amplitude das médias foi de 63,18 (HTC102-8) a 68,65 (HTC102-18), que comprova a variabilidade genética dos híbridos *topcrosses* da população 102 (Tabela 2).

No grupo de médias superiores foram alocados 68% dos híbridos *topcrosses*, que não diferiram dos híbridos comerciais, exceto do P30B39 H (Tabela 2).

Os genótipos HTC102-6 e HTC102-21 se destacaram frente aos demais híbridos *topcrosses* com os valores mais elevados de %NDT em ambos os espaçamentos entre linhas (Tabela 2). No entanto, deve se ressaltar que as demais

características bromatológicas devem ser levadas em consideração para seleção de híbridos *topcrosses* superiores.

Assim, pode-se inferir que é viável extrair linhagens com bom potencial forrageiro para silagem a partir de híbridos simples, já que estes apresentam acúmulo de alelos favoráveis para as características de interesse agrônomo.

CONCLUSÕES

O HTC102-21 se destacou-se frente aos demais híbridos *topcrosses* e testemunhas, com as médias superiores do VRF e %NDT da forragem no ponto de ensilagem em ambos os espaçamentos entre linhas, portando respectiva linhagem S3 deve prosseguir no processo de endogamia.

A extração de linhagens a partir de híbridos simples é uma alternativa viável para obtenção de novos híbridos de milho com valor nutricional da forragem superior.

AGRADECIMENTOS

A Fundação Araucária, Capes e CNPq.

REFERÊNCIA

ANDRADE, J.A.C. **Dialélico parcial circulante interpopulacional em milho (*Zea mays* L.)**. 1995. 134 f. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" – Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1995.

BOLSEN, K.K. Silage technology. In: AUSTRALIAN MAIZE CONFERENCE, 2., 1996, Queensland. **Anais...** Queensland: Gatton College, 1996. p.1-30.

CRUZ, C.D. Genes - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.35, n.3, p.271-276, 2013.

DAVIS, R.L. Report of the plant breeder. **Puerto Rico Agr. Exp. Sta. Ann. Rpt.**, p.14-15, 1927.

FARIA, M.V.F.; MENDES, M.C.; ROSSI, E.S.; POSSATTO JUNIOR, O.; RIZZARDI, D.A.; GRALAK, E.; SILVA, C.A.; FARIA, C.M.D.R. Análise dialélica da produtividade e do progresso da severidade de doenças foliares em híbridos de milho em duas densidades populacionais. **Semina Ciências Agrárias**, Londrina, v.36, n.1, p.123-134, 2015.

GRALAK, E.; FARIA, M.V.; POSSATTO JUNIOR, O.; ROSSI, E.S.; SILVA, C.A.; RIZZARDI, D.A.; MENDES, M.C.; NEUMANN, M. Capacidade combinatória de híbridos de milho para caracteres agrônômicos e bromatológicos da silagem. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete lagoas, v.13, n.2, p.187-200, 2014.

GRALAK, E.; FARIA, M.V.; ROSSI, E.S.; POSSATTO JUNIOR, O.; GABRIEL, A.; MENDES, M.C.; SCAPIM, C.A.; NEUMANN, M. Capacidade combinatória de híbridos de milho para produção de grãos e severidade de doenças foliares em dialelo circulante. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete lagoas, v.14, n.1, p.116-129, 2015.

MARCONDES, M.M.; FARIA, M.V.; MENDES, M.C.; OLIVEIRA, B.R.; SANTOS, J.F.; MATCHULA, P.H.; WALTER, A.L.B. Desempenho agrônomo de linhagens S₄ de milho em cruzamentos *topcrosses*. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, v.14, n.1, p.145-154, 2015a.

MARCONDES, M.M.; FARIA, M.V.; NEUMANN, M.; MARCONDES, M.M.; SILVA, C.A.; VASCOSKI, V.; RIZZARDI, D.A. Desempenho agrônomo e forrageiro de linhagens S₄ de milho em *topcrosses* com híbrido simples. **Semina Ciências Agrárias**, Londrina, v.36, n. 4, p.2395-2406, 2015 b.

MERTENS, D.R. Regulation of forage intake. In: FAHEY JR., G.C. (Ed.). **Forage quality, evaluation and utilization**. Winsconsin: American Society of Agronomy. p.450-493, 1994.

OLIBONI, R.; FARIA, M.V.; NEUMANN, M.; RESENDE, J.T.V.; BATTISTELLI, G.M.; TEGONI, R.G.; OLIBONI D.F. Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações-base para obtenção de linhagens. **Semina**, Londrina, v.34, n.1, p.7-18, 2013.

SOUZA NETO, I.L.; PINTO, R.J.B.; SCAPIM, C.A.; JOBIM, C.C.; FIGUEIREDO, A.S.T.; BIGNOTTO, L.S. Análise dialélica e depressão endogâmica de híbridos forrageiros de milho para características agrônômicas e de qualidade bromatológica. **Bragantia**, Campinas, v.74, n.1, p.42-49, 2015.

VAN SOEST, P.J.; ROBERTSON, J.B.; LEWIS, B.A. Methods for dietary fiber, neutral detergent fiber, nonstarch polysaccharides in relation to animal nutrition. **Journal of Dairy Science**. Champaign, v.74, n.10, p. 3583- 3597, 1991.

Tabela 1. Resumo da análise de variância conjunta do valor relativo da forragem (VRF) e nutrientes digestíveis totais (%NDT) na % da massa seca, referentes a 25 híbridos *topcrosses* e seis testemunhas, avaliados na safra agrícola 2013/14, em Guarapuava-PR.

| Fonte de variação | GL | Quadrado Médio | |
|-------------------|----|----------------|----------|
| | | VRF | %NDT |
| Bloco/Espaçamento | 2 | 21,7353 | 0,1090 |
| Genótipo (G) | 30 | 183,1716* | 7,8317* |
| Espaçamento (E) | 1 | 140,1544 | 15,3373* |
| G X E | 30 | 79,7476* | 3,2514* |
| Erro médio | 60 | 25,6100 | 1,5672 |
| Média Geral | | 112,00 | 66,54 |
| CV (%) | | 4,51 | 1,88 |

*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F.

Tabela 2. Valores médios do valor relativo da forragem (VRF) e porcentagem de nutrientes digestíveis totais (%NDT) na massa seca, de 25 híbridos *topcrosses* e seis testemunhas avaliados nos espaçamentos entre linhas 0,4 e 0,7 m, na safra agrícola 2013/14 em Guarapuava-PR.

| Topcross | VRF | | %NDT | |
|-----------------|--------------------------|------------|-----------|-----------|
| | Espaçamento entre linhas | | | |
| | 0,4 m | 0,7 m | 0,4 m | 0,7 m |
| HTC102-01 | 106,49 d | 102,37 b | 64,98 b | 63,21 b |
| HTC102-02 | 106,21 d | 115,54 a | 67,12 a | 67,35 a |
| HTC102-03 | 108,38 c | 105,55 b | 64,59 b | 66,82 a |
| HTC102-04 | 117,09 b A | 99,06 b B | 68,28 a A | 64,46 b B |
| HTC102-05 | 119,98 b | 111,35 a | 67,78 a | 67,26 a |
| HTC102-06 | 115,04 c | 117,51 a | 68,57 a | 68,39 a |
| HTC102-07 | 135,00 a | 125,30 a | 70,50 a A | 67,15 a B |
| HTC102-08 | 97,96 d | 95,76 b | 64,42 b | 63,19 b |
| HTC102-09 | 121,06 b | 111,73 a | 64,40 b | 66,38 a |
| HTC102-10 | 108,47 c | 114,49 a | 65,62 b | 66,41 a |
| HTC102-11 | 105,56 d | 112,28 a | 65,98 b | 65,47 b |
| HTC102-12 | 106,59 d | 102,65 b | 66,41 b | 64,06 b |
| HTC102-13 | 112,43 c | 109,22 b | 67,46 a | 66,06 a |
| HTC102-14 | 112,46 c | 113,21 a | 69,66 a | 67,21 a |
| HTC102-15 | 111,44 c | 105,25 b | 67,26 a | 66,02 a |
| HTC102-16 | 115,07 c | 117,26 a | 67,98 a | 67,79 a |
| HTC102-17 | 128,53 a A | 99,05 b B | 66,82 a A | 63,74 b B |
| HTC102-18 | 133,36 a A | 114,93 a B | 67,99 a | 68,65 a |
| HTC102-19 | 111,47 c | 107,34 b | 69,50 a | 67,55 a |
| HTC102-20 | 101,05 d | 104,72 b | 64,72 b | 65,73 a |
| HTC102-21 | 122,60 b | 120,00 a | 68,86 a | 68,16 a |
| HTC102-22 | 103,97 d | 110,01 a | 65,25 b | 66,56 a |
| HTC102-23 | 113,45 c | 116,17 a | 65,40 b | 66,37 a |
| HTC102-24 | 116,74 b | 111,28 a | 67,52 a A | 63,28 b B |
| HTC102-25 | 119,84 b | 113,32 a | 68,26 a A | 65,05 b B |
| Testemunhas | | | | |
| DKB245 PRO2 (T) | 111,07 c | 117,90 a | 66,77 a | 66,57 a |
| P30F53 H | 110,75 c | 106,00 b | 67,10 a | 65,84 a |
| P30B39 H (G) | 103,60 d | 105,24 b | 64,54 b | 65,33 b |
| AS1572 | 102,03 d | 110,53 a | 64,32 b | 66,24 a |
| DKB315 PRO | 113,05 c B | 125,38 a A | 67,00 a | 68,59 a |
| SG6030 PRO | 114,40 c | 118,82 a | 68,92 a | 67,32 a |
| Média Geral | 113,06 | 110,94 | 66,90 A | 66,19 B |



(HTC) Híbrido *topcross*, (T) = Testador, (G) = Genitor. *Médias seguidas da mesma letra minúscula na coluna e letra maiúscula na linha pertencem a um mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.